

WO 00/56897

1

PCT/FR00/00714

LISTE DE SEQUENCES

(1) INFORMATIONS GENERALES:

(i) DEPOSANT:

- (A) NOM: RHOBIO
- (B) RUE: 14-20 Rue Pierre BAIZET
- (C) VILLE: LYON
- (E) PAYS: France
- (F) CODE POSTAL: 69009

(ii) TITRE DE L'INVENTION: Promoteur inductible COMTII, gène chimère le comprenant et plantes transformées

(iii) NOMBRE DE SEQUENCES: 26

(iv) FORME DECHIFFRABLE PAR ORDINATEUR:

- (A) TYPE DE SUPPORT: Floppy disk
- (B) ORDINATEUR: IBM PC compatible
- (C) SYSTEME D'EXPLOITATION: PC-DOS/MS-DOS
- (D) LOGICIEL: PatentIn Release #1.0, Version #1.30 (OEB)

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 1:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 1863 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: double
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADN (génomique)

(ix) CARACTERISTIQUE:

- (A) NOM/CLE: misc_signal
- (B) EMPLACEMENT: 667..672
- (D) AUTRES INFORMATIONS:/function= "boite W inverse"

(ix) CARACTERISTIQUE:

- (A) NOM/CLE: misc_signal
- (B) EMPLACEMENT: 820..830
- (D) AUTRES INFORMATIONS:/function= "boite L inverse"

(ix) CARACTERISTIQUE:

- (A) NOM/CLE: enhancer
- (B) EMPLACEMENT: 845..852

(ix) CARACTERISTIQUE:

- (A) NOM/CLE: misc_signal
- (B) EMPLACEMENT: 1034..1047
- (D) AUTRES INFORMATIONS:/function= "boite P"

(ix) CARACTERISTIQUE:

- (A) NOM/CLE: misc_signal
- (B) EMPLACEMENT: 1221..1226
- (D) AUTRES INFORMATIONS:/function= "boite G"

(ix) CARACTERISTIQUE:

- (A) NOM/CLE: misc_signal
- (B) EMPLACEMENT: 1343..1356
- (D) AUTRES INFORMATIONS:/function= "boite L inverse"

(ix) CARACTERISTIQUE:

- (A) NOM/CLE: misc_signal

(B) EMPLACEMENT:1369..1374
(D) AUTRES INFORMATIONS:/function= "boite A"

(ix) CARACTERISTIQUE:
(A) NOM/CLE: misc_signal
(B) EMPLACEMENT:1377..1382
(D) AUTRES INFORMATIONS:/function= "boite GT"

(ix) CARACTERISTIQUE:
(A) NOM/CLE: misc_signal
(B) EMPLACEMENT:1483..1488
(D) AUTRES INFORMATIONS:/function= "boite GT"

(ix) CARACTERISTIQUE:
(A) NOM/CLE: misc_signal
(B) EMPLACEMENT:1562..1567
(D) AUTRES INFORMATIONS:/function= "boite W inverse"

(ix) CARACTERISTIQUE:
(A) NOM/CLE: misc_signal
(B) EMPLACEMENT:1600..1614
(D) AUTRES INFORMATIONS:/function= "boite L"

(ix) CARACTERISTIQUE:
(A) NOM/CLE: CAAT_signal
(B) EMPLACEMENT:1675..1679

(ix) CARACTERISTIQUE:
(A) NOM/CLE: misc_signal
(B) EMPLACEMENT:1681..1690
(D) AUTRES INFORMATIONS:/function= "boite E"

(ix) CARACTERISTIQUE:
(A) NOM/CLE: CAAT_signal
(B) EMPLACEMENT:1695..1699

(ix) CARACTERISTIQUE:
(A) NOM/CLE: TATA_signal
(B) EMPLACEMENT:1735..1739

(ix) CARACTERISTIQUE:
(A) NOM/CLE: transcription origin
(B) EMPLACEMENT:1772

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 1:

AAAGTTAGGG ACAATCTATA GTGTCACAAA GTTGCTTATG GCTTTTGGTT CAGATAAAGA	60
AAAAGAACAG CATTTTAATT TGTGAAGATT AGTCTGAGCA GAATTTTCATT GTATCTAGAA	120
AGAAATTGAA AAAAGAAATA TTCTATTTCA CTATTATGTT AGGTGCAACT ATATCATCAC	180
CATGGAAAAG CCGGAGTAAA AAGAGAACGT AGAGGAGATT TCATGATTTG ATTGAGAATA	240
TAATATATTA TTTTTTTGTA ATTCCACACA AAGATTAAGA AAATGATCTG ATCAATGATG	300
GCTCCGAGGA TTTGGCTGTC GCGGGAAC TAACATTAAT ATAAATTTGT CGCTGCCTAT	360
AAAGACCCTA TCTATCTATC TATCTATCTA TATATATATA TATATATATA TATATATATA	420
TATATATATA TATATATATA TATATATATA TATATATAAG CGCTAATATT TGATTATTTT	480
TTAAAAATAT TTATAAGTAT ATATGAAATT TTTGACGAAA TTTTGTGTG ACCGTGACCC	540
CTCAACCTAT AGTGTGCGTC CACCTGTGCC AACAATATAG AGACAATTTG CTCGTATAGT	600

CAGAAAGAGT GTTTTACTTT TTAGTTGCTT TTTAGTGAAT CTA	CTACTCGGTA TAAAGTTAAA	660
TTAGTGGGTC AATAAGTCGG GTGAATAGTT AAAGAAAACA GTGGTGAGTT TAGCTGTCAA		720
ATAATTTCTT CTTTTTCTTG TTTTCACATT AGAAATCAAA ATAAACACA AGCTTTTTGT		780
ATTTATTTTA ACACAAGCTA ATTATATGTT TATATGCTGG TTAGGTGAAG TAAAGCATGT		840
TATATGAGGA AAGTACGAAG AAAATGTGCC AATTGTCGTG TACAGCAAAG CAGCCAGCAC		900
AAGCAAATTC GCACTTGATA AGTGGCTAAG TCCACTTTCT AGTGGACCTA GTGGTTCACT		960
AACTTTTACC AAAAAGGCAA TAATTTGCAA TTCAAAAAGA AAAAAGGAAA AAAGAAA	ACT	1020
AGACAGACTT TAACACACCA ACTCCCACAG GAAGCAACAA TGCAACTCAC AAAAGGAAAC		1080
CGAGTTTTTC CGCGACGGAT CTAGAATTTG GGTTCATTCT TTACGCTTTT TCGTATTAAA		1140
CTCATTATAT TTGTATAATT ATGGGTTTAT ATTTTTTATT TATTGTAATT TTTGTAA	AAAT	1200
TTTATATATA AGTGTATACT CCACGTCTCC GGATACTACA TTAGCCTCTA GGGTTC	TAA	1260
TACTCTTGTT AAATTGTCCA GGCTCCAAAC GCATGTTCGT TTCAATTTTA ACGGATG	TTT	1320
CCGAACA	ACT CCAAATGTTC AATGTTAGGT GTGTTTGGTG TTAAGCTTCC GTCCTAGGTT	1380
AATAGAATAG ATAATTGTTG TTTCTTATAT AGTTTTGAAC AATCGTCGCC ATAACTAAT		1440
TTTTAGGATG GAAGCTAATT TTTAGGATGG AGTACAGCCT AAGGTAAAA TATAACTATA		1500
AAAAATATCC ATAAAAGGTG AAATTTAATT AGTAACATGA AAAGATAAAA CTAGTGTTAT		1560
CGGTCAA	ACT TTCAAAGAG AAAGAAATAA CTAGACAAAC TTCAACAACC AACCTGCCCCA	1620
ACATGCTACT GTGCAATTGA AAAATAAACA AAAGAGAACC AGACAATATT TCAACCAATA		1680
TTCCATCAAG AAAACCAATT ATGACAATTC TTAACCAAAG TCACA	ACTAA CACTTATAAA	1740
AAGCACTAAC TCAACTGTAC ATGATTGTGA AGCCTAACAA AAACACTCTA AAAGGAAAAG		1800
ACTACGAGAA TAATTACACT ACAACTCTTA TAGCTAATTC TTGTCTCAAG ATTTTCAGCT		1860
ATG		1863

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 2:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 5371 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: double
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADN (génomique)

(ix) CARACTERISTIQUE:

- (A) NOM/CLE: promoteur
- (B) EMBLACEMENT: 1..1860

(ix) CARACTERISTIQUE:

- (A) NOM/CLE: transcription origine
- (B) EMBLACEMENT: 1772

(ix) CARACTERISTIQUE:

- (A) NOM/CLE: exon

(B) EMPLACEMENT:1861..2281

(ix) CARACTERISTIQUE:

(A) NOM/CLE: intron

(B) EMPLACEMENT:2282..3633

(ix) CARACTERISTIQUE:

(A) NOM/CLE: exon

(B) EMPLACEMENT:3634..3944

(ix) CARACTERISTIQUE:

(A) NOM/CLE: intron

(B) EMPLACEMENT:3945..4726

(ix) CARACTERISTIQUE:

(A) NOM/CLE: exon

(B) EMPLACEMENT:4727..5089

(ix) CARACTERISTIQUE:

(A) NOM/CLE: terminateur

(B) EMPLACEMENT:5090..5371

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 2:

AAAGTTAGGG ACAATCTATA GTGTCACAAA GTTGCTTATG GCTTTTGGTT CAGATAAAGA	60
AAAAGAACAG CATTTTAATT TGTGAAGATT AGTCTGAGCA GAATTCATT GTATCTAGAA	120
AGAAATTGAA AAAAGAAATA TTCTATTTCA CTATTATGTT AGGTGCAACT ATATCATCAC	180
CATGGAAAAG CCGGAGTAAA AAGAGAACGT AGAGGAGATT TCATGATTTG ATTGAGAATA	240
TAATATATTA TTTTTTTGTA ATTCCACACA AAGATTAAGA AAATGATCTG ATCAATGATG	300
GCTCCGAGGA TTTGGCTGTC GCGGGAAC TAACATTAAT ATAAATTTGT CGCTGCCTAT	360
AAAGACCCTA TCTATCTATC TATCTATCTA TATATATATA TATATATATA TATATATATA	420
TATATATATA TATATATATA TATATATATA TATATATAAG CGCTAATATT TGATTATTTT	480
TTAAAAATAT TTATAAGTAT ATATGAAATT TTTGACGAAA TTTTGTGTG ACCGTGACCC	540
CTCAACCTAT AGTGTGCGTC CACCTGTGCC AACAATATAG AGACAATTTG CTCGTATAGT	600
CAGAAAGAGT GTTTTACTTT TTAGTTGCTT TTTAGTGAAT CTACTCGGTA TAAAGTTAAA	660
TTAGTGGGTC AATAAGTCGG GTGAATAGTT AAAGAAAACA GTGGTGAGTT TAGCTGTCAA	720
ATAATTTCTT CTTTTTCTTG TTTTCACATT AGAAATCAAA ATAAACACA AGCTTTTTGT	780
ATTTATTTTA ACACAAGCTA ATTATATGTT TATATGCTGG TTAGGTGAAG TAAAGCATGT	840
TATATGAGGA AAGTACGAAG AAAATGTGCC AATTGTCGTG TACAGCAAAG CAGCCAGCAC	900
AAGCAAATTC GCACTTGATA AGTGGCTAAG TCCACTTTCT AGTGGACCTA GTGGTTCACT	960
AACTTTTACC AAAAAGGCAA TAATTTGCAA TTCAAAAAGA AAAAAGGAAA AAAGAAAAC	1020
AGACAGACTT TAACACACCA ACTCCCACAG GAAGCAACAA TGCAACTCAC AAAAGGAAAC	1080
CGAGTTTTTC CGCGACGGAT CTAGAATTTG GGTTCATTCT TTACGCTTTT TCGTATTAAA	1140
CTCATTATAT TTGTATAATT ATGGGTTTAT ATTTTTTATT TATTGTAATT TTTGTAAAAT	1200
TTTATATATA AGTGTATACT CCACGTCTCC GGATACTACA TTAGCCTCTA GGGTTCTTAA	1260

TACTCTTGTT	AAATTGTCCA	GGCTCCAAAC	GCATGTTTCGT	TTCAATTTTA	ACGGATGTTT	1320
CCGAACAAC	CCAAATGTTT	AATGTTAGGT	GTGTTTGGTG	TTAAGCTTCC	GTCCTAGGTT	1380
AATAGAATAG	ATAATTGTTG	TTTCTTATAT	AGTTTTGAAC	AATCGTCGCC	ATAAACTAAT	1440
TTTTAGGATG	GAAGCTAATT	TTTAGGATGG	AGTACAGCCT	AAGGTTAAAA	TATAACTATA	1500
AAAAATATCC	ATAAAAGGTG	AAATTTAATT	AGTAACATGA	AAAGATAAAA	CTAGTGTTAT	1560
CGGTCAAAC	TTCAAAAGAG	AAAGAAATAA	CTAGACAAAC	TTCAACAACC	AACCTGCCCA	1620
ACATGCTACT	GTGCAATTGA	AAAATAAACA	AAAGAGAACC	AGACAATATT	TCAACCAATA	1680
TTCCATCAAG	AAAACCAATT	ATGACAATTC	TTAACCAAAAG	TCACAACTAA	CACTTATAAA	1740
AAGCACTAAC	TCAACTGTAC	ATGATTGTGA	AGCCTAACAA	AAACACTCTA	AAAGGAAAAG	1800
ACTACGAGAA	TAATTACACT	ACAACTCTTA	TAGCTAATTC	TTGTCTCAAG	ATTTTCAGCT	1860
ATGGAATCCT	CAACCAAAAAG	CCAAATACCA	ACACAATCAG	AAGAAGAGCG	TAAGTGCACA	1920
TATGCCATGC	AACTATTGTC	ATCTTCAGTC	CTCCCCTTTG	TGTTGCATTC	AACAATTCAA	1980
TTGGAAGTTT	TTGAGATATT	AGCCAAATCT	AATGACACTA	AACTTTCTGC	TTCTCAAATT	2040
GTTTCTCAA	TTCTAACTG	CACAAAACCT	GAAGCACCTA	CTATGTTAAA	TAGGATGCTT	2100
TATGTCTTGG	CTAGTTACTC	CTTGTTTACT	TGTTCCATTG	TTGAAGATGA	AAAAAATAAT	2160
GGGGGCCAAA	AAAGAGTGTA	TGGTTTGTCA	CAAGTGGGAA	AATTCTTTGT	TAAAAATGAA	2220
AATGGTGCAT	CAATGGGGCC	ACTTTTGGCT	TTGCTTCAAA	ATAAAGTATT	CATAAACAGC	2280
TGGTAAGTTT	TGTCCTACTG	TGTATTCTTT	TTGCAGTGGC	TGTATTGATT	GGTTGCCTTT	2340
TTCACAAGAC	AAGATTCTTA	AGTTTTATTA	CTTGTCGATT	TATGTTAGTC	GTATGTGCTA	2400
GTGTTATTAT	TCTCCATCTG	ATCCTTTTAT	TGGTCACTTT	ACCTAAAAAT	ATTGTTACAA	2460
AACATTTGTC	CTTCTAGAAA	ATCAGGTATT	ATTAATTTTT	CAATTCCATC	TTTATTACTC	2520
CAATAGTGAA	TATGGTTATT	AATTAGTGTT	TTAAGGAAGA	TGTAAGGATA	ATTTAATCAA	2580
ATAGGATTTA	TTATTAATGT	TGTCAAAGAT	TCTGGTGGAT	GGATCGGAGA	AAATTTCTTC	2640
ATCTTAATCA	GAGTTTGATG	TTCGAGCCAC	AGGAATGAAT	TTGTTTTTAA	TAGGGAGTAT	2700
TTTCTCTTTG	AATAGACCTT	ACACAATAAA	AGGACAACCC	GGTACACTAA	GCTTCCGTTA	2760
TGCGCGGGGT	TCGGGGAAAG	GACCGCATCA	CCAGGTCTAT	TGTACGCAGC	GTTACCCAAC	2820
GTGAATCTAA	ATTAATGAGA	CTAAAAAATG	GAACCCAACA	CCAGTGAAAA	CCAAAAAAG	2880
AAGCAAAC	TTAGTGATGG	CTTGGAAGA	TCTTTCTTCT	TGAATAACTT	GGAGCGCTAT	2940
ATATTAAGGC	GTCGCAGCCG	TTAGATACTT	TCAAGAAGAA	AGCTAAAAAA	TGTTTTAAAG	3000
TTACGGCGCT	AGAATAATGA	AATTTCTCTA	TATATATAAT	TCAAAAGTTA	ATAATTTATT	3060
CTCTTAAC	TTAACTATAT	TATAAACTA	TATTAAGTAA	CTTCTGCCTA	ATTTATAATA	3120
TACAACTAAT	GTTTTGAGAA	AACAAAATAA	CAACAACATC	AAACCCAATG	AAATCCCACA	3180
AGTAGAGTTT	GGGGAGGATA	GTGTGTACGG	AGACCTTACC	CCTACCTTAT	AAAGTTAAAG	3240

AGGCTGTTTT	CGAAAGACTC	TCGGCTCAAG	AACATTAAAA	ATTTGAGAAA	ACAAAATATA	3300
AATTCAAAAC	CTATATTAAG	TTTATAATCC	ATGGTATATT	ATATTGGCTT	AGTAATCTGA	3360
AATGAAAGAT	TTATGTTTGA	CTCCTCTAAA	CTTGTTTTTA	ATGCAAAAGA	GGCACAACAT	3420
ATATATTATA	AGTATCTTTT	TTTGGTTTCC	CACTGTGGCC	GCTAAATTCG	GATTCGCTGG	3480
AAGTGTCAAC	TTGTTGGAGA	TGGGGGCAAC	GCTCACAACA	AAGACGATTC	TATAATTAGT	3540
GTTCGAACCT	GAAATTTTAT	TTAAAGATAA	AGAAGTACTT	ACCATAATGG	TAGATATGAT	3600
CATATCTGAC	TCTCTTTCTA	ATTTCAAATT	ACAGGTTTGA	ACTAAAAGAT	GCAGTTCTTG	3660
AAGGAGGAGT	TCCATTTGAC	AGGGTACACG	GTGTGCATGC	ATTTGAATAT	CCAAAATCGG	3720
ACCCAAAATT	CAATGATGTT	TTCAACAAGG	CAATGATCAA	TCACACAAC	GATGTCATGA	3780
AAAAAATACT	TGAAAATTAC	AAAGGTTTTG	AGAACCCTAA	AACTTTGGTT	GATGTTGGAG	3840
GTGGTCTTGG	AGTTAACCTC	AAGATGATTA	CATCTAAATA	CCCCACAATT	AAGGGCACTA	3900
ATTTTGATTT	GCCACATGTT	GTTCAACATG	CCCCTTCCTA	TCCTGGTACC	TTCTCTCGTT	3960
CTTATTTTGT	TGTTTATTAT	ATTTACTTCG	ATCATCAGGT	CTAGGTCTGT	CAAGTTAAAT	4020
TCGTTCTCAA	AAAAGTTTAT	AAAGGTTTTG	AACTCCATCA	CCTATTGCTT	TAGGATTTTG	4080
AGTTGTATGC	TCTGAGTCTT	GCGCATGGTA	TCATAGTCAA	TTTATTTAAG	CTCGTTATTG	4140
CACTTGTGAA	TTCTATTATA	TAAGGAGTAA	GCCTACCAAA	AAGGAGCGAA	AATATTTTCC	4200
AAAACCTCTT	TTAAACCTTC	CTCACCCCAT	TCCCCTCTCC	CCTCTCCCCC	AACACCACCC	4260
ACCACCCCAA	CTCCCCCGTC	TTAGTTTTTT	TATTTATCCT	GGACTTTCTT	ATATTTTATG	4320
CTTTCCTTTA	ATTGAACTCT	TGTAACATAA	CCATTTGCCC	CCCACCCTAT	AGTGTTTGCC	4380
TAAATTTTAT	ATTTTTCAAA	ATAATATTTT	CTATTTACTA	ATTAAACATT	AGAAAATATT	4440
TTTCGGATTT	TTTTCCACTC	ACCAACCAAG	CATGGGAAAA	TAGTGATAAA	ACTACTCATT	4500
TTTCAAAATA	ATATTTTCAA	GGAAAACATT	TTCCTTTATA	CCAAATACCC	TTACTCTTGT	4560
ATACAAATCT	TCATGTCGAT	GATCTTGCAA	TATATATACA	TGTATATGTA	TGATTTGATA	4620
AACCACATGA	ACAAAATGGT	TGAGCTCTGC	GAATTGTGAT	ATATGATTTG	CTTATGTGTT	4680
GTGCACTATC	AATTACTTAA	ATTAACTTC	ATCTAATAAT	ATTGCAGGGG	TGGAACATGT	4740
TGGGGGAGAT	ATGTTTGAAA	GTGTTCCAGA	AGGAGATGCT	ATTTTTATGA	AGTGGATTCT	4800
TCATGACTGG	AGTGATAGTC	ACAACCTCAA	GTTGCTAAAG	AACTGCTACA	AGGCTCTACC	4860
AGACAATGGA	AAGGTGATTG	TTGTTGAGGC	CATTTTACCA	GTGAAACCAG	ACATTGACAC	4920
CGCAGTGGTT	GGCGTTTCGC	AATGTGATTT	GATCATGATG	GCTCAAAATC	CTGGAGGCAA	4980
AGAGCGATCG	GAAGAGGAGT	TTCGAGCCTT	GGCTACTGAA	GCTGGATTCA	AAGGCGTTAA	5040
CTTAATATGT	TGTGTCTGTA	ATTTTTGGGT	CATGGAATTC	TGCAAGTAGA	TTTCTACTGT	5100
ACATTGAGTT	TCTACTACTC	TTGAGTATCC	ATTTATGGCA	ATCTGGGACT	GGAATTGCAG	5160
CTTAGTCCAG	ATTGAACATT	GATATTCCTA	ATAATATTTT	TATTATTTCC	CTTGTTTATT	5220

TCTCTTGAT GAAAGGATGT CATTTTGAGT ATTGATAATC ATGTTCTCTA GGACAGAAAT 5280
 TGTAACCTTTG TCCAACCTTA TTGATATTCC TAGTAAGATT TATATGACAT GTGTCTCTGG 5340
 TTTGAGAAGA GTTTCAATAT CTACAGACGG G 5371

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 3:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 1095 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADN

(ix) CARACTERISTIQUE:

- (A) NOM/CLE: CDS
- (B) EMPLACEMENT: 1..1095

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 3:

ATG GAA TCC TCA ACC AAA AGC CAA ATA CCA ACA CAA TCA GAA GAA GAG	48
Met Glu Ser Ser Thr Lys Ser Gln Ile Pro Thr Gln Ser Glu Glu Glu	
1 5 10 15	
CGT AAC TGC ACA TAT GCC ATG CAA CTA TTG TCA TCT TCA GTC CTC CCC	96
Arg Asn Cys Thr Tyr Ala Met Gln Leu Leu Ser Ser Ser Val Leu Pro	
20 25 30	
TTT GTG TTG CAT TCA ACA ATT CAA TTG GAA GTT TTT GAG ATA TTA GCC	144
Phe Val Leu His Ser Thr Ile Gln Leu Glu Val Phe Glu Ile Leu Ala	
35 40 45	
AAA TCT AAT GAC ACT AAA CTT TCT GCT TCT CAA ATT GTT TCT CAA ATT	192
Lys Ser Asn Asp Thr Lys Leu Ser Ala Ser Gln Ile Val Ser Gln Ile	
50 55 60	
CCT AAC TGC ACA AAA CCT GAA GCA CCT ACT ATG TTA AAT AGG ATG CTT	240
Pro Asn Cys Thr Lys Pro Glu Ala Pro Thr Met Leu Asn Arg Met Leu	
65 70 75 80	
TAT GTC TTG GCT AGT TAC TCC TTG TTT ACT TGT TCC ATT GTT GAA GAT	288
Tyr Val Leu Ala Ser Tyr Ser Leu Phe Thr Cys Ser Ile Val Glu Asp	
85 90 95	
GAA AAA AAT AAT GGG GGC CAA AAA AGA GTG TAT GGT TTG TCA CAA GTG	336
Glu Lys Asn Asn Gly Gly Gln Lys Arg Val Tyr Gly Leu Ser Gln Val	
100 105 110	
GGA AAA TTC TTT GTT AAA AAT GAA AAT GGT GCA TCA ATG GGG CCA CTT	384
Gly Lys Phe Phe Val Lys Asn Glu Asn Gly Ala Ser Met Gly Pro Leu	
115 120 125	
TTG GCT TTG CTT CAA AAT AAA GTA TTC ATA AAC AGC TGG TTT GAA CTA	432
Leu Ala Leu Leu Gln Asn Lys Val Phe Ile Asn Ser Trp Phe Glu Leu	
130 135 140	
AAA GAT GCA GTT CTT GAA GGA GGA GTT CCA TTT GAC AGG GTA CAC GGT	480
Lys Asp Ala Val Leu Glu Gly Gly Val Pro Phe Asp Arg Val His Gly	
145 150 155 160	
GTG CAT GCA TTT GAA TAT CCA AAA TCG GAC CCA AAA TTC AAT GAT GTT	528
Val His Ala Phe Glu Tyr Pro Lys Ser Asp Pro Lys Phe Asn Asp Val	
165 170 175	

TTC AAC AAG GCA ATG ATC AAT CAC ACA ACT GTA GTC ATG AAA AAA ATA	576
Phe Asn Lys Ala Met Ile Asn His Thr Thr Val Val Met Lys Lys Ile	
180 185 190	
CTT GAA AAT TAC AAA GGT TTT GAG AAC CTT AAA ACT TTG GTT GAT GTT	624
Leu Glu Asn Tyr Lys Gly Phe Glu Asn Leu Lys Thr Leu Val Asp Val	
195 200 205	
GGA GGT GGT CTT GGA GTT AAC CTC AAG ATG ATT ACA TCT AAA TAC CCC	672
Gly Gly Gly Leu Gly Val Asn Leu Lys Met Ile Thr Ser Lys Tyr Pro	
210 215 220	
ACA ATT AAG GGC ACT AAT TTT GAT TTG CCA CAT GTT GTT CAA CAT GCC	720
Thr Ile Lys Gly Thr Asn Phe Asp Leu Pro His Val Val Gln His Ala	
225 230 235 240	
CCT TCC TAT CCT GGG GTG GAA CAT GTT GGG GGA GAT ATG TTT GAA AGT	768
Pro Ser Tyr Pro Gly Val Glu His Val Gly Gly Asp Met Phe Glu Ser	
245 250 255	
GTT CCA GAA GGA GAT GCT ATT TTT ATG AAG TGG ATT CTT CAT GAC TGG	816
Val Pro Glu Gly Asp Ala Ile Phe Met Lys Trp Ile Leu His Asp Trp	
260 265 270	
AGT GAT AGT CAC AAC CTC AAG TTG CTA AAG AAC TGC TAC AAG GCT CTA	864
Ser Asp Ser His Asn Leu Lys Leu Leu Lys Asn Cys Tyr Lys Ala Leu	
275 280 285	
CCA GAC AAT GGA AAG GTG ATT GTT GTT GAG GCC ATT TTA CCA GTG AAA	912
Pro Asp Asn Gly Lys Val Ile Val Val Glu Ala Ile Leu Pro Val Lys	
290 295 300	
CCA GAC ATT GAC ACC GCA GTG GTT GGC GTT TCG CAA TGT GAT TTG ATC	960
Pro Asp Ile Asp Thr Ala Val Val Gly Val Ser Gln Cys Asp Leu Ile	
305 310 315 320	
ATG ATG GCT CAA AAT CCT GGA GGC AAA GAG CGA TCG GAA GAG GAG TTT	1008
Met Met Ala Gln Asn Pro Gly Gly Lys Glu Arg Ser Glu Glu Glu Phe	
325 330 335	
CGA GCC TTG GCT ACT GAA GCT GGA TTC AAA GGC GTT AAC TTA ATA TGT	1056
Arg Ala Leu Ala Thr Glu Ala Gly Phe Lys Gly Val Asn Leu Ile Cys	
340 345 350	
TGT GTC TGT AAT TTT TGG GTC ATG GAA TTC TGC AAG TAG	1095
Cys Val Cys Asn Phe Trp Val Met Glu Phe Cys Lys	
355 360	

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 4:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 22 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Oligonucléotide synthétique n° 1

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 4:

CGTTTCGCAA TGTGATTGTA TC

22

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 5:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 23 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Oligonucléotide synthétique n° 2

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 5:

CTCAAAATGA CATCCTTTCA TAC

23

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 6:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 25 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Oligonucléotide synthétique n° 3

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 6:

CTGAAGATGT CAATAGTTGC ATGGC

25

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 7:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 33 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Oligonucléotide synthétique PAS1

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 7:

GGTCTAGAGG GCCTTTTAGA GTGTTTTTGT TAG

33

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 8:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 29 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Oligonucléotide synthétique PS1

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 8:

AAAGTCGACC GTCCACCTGT GCCAACAAT

29

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 9:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 24 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Oligonucléotide synthétique PS2

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 9:

TGTTTGGTGT TATGCTTCCG TCCT

24

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 10:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 292 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Oligonucléotide synthétique PS3

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 10:

AAAAAGCTTT TTAGGATGG AGTACAGCC

29

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 11:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 29 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Oligonucléotide synthétique PS4

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 11:

TTTAAGCTTA AAGAGAACCA GACAATATT

29

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 12:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 354 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADN

(ix) CARACTERISTIQUE:

- (A) NOM/CLE: CDS
- (B) EMBLEMMENT:1..60
- (D) AUTRES INFORMATIONS:/function= preproteine

(ix) CARACTERISTIQUE:

- (A) NOM/CLE: CDS
- (B) EMBLEMMENT:61..60
- (D) AUTRES INFORMATIONS:/function= preproteine

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 12:

atg aac ttc acc gct ctg ctc gct gcc gtc gcc gcc gcc ttg gtc gga	48
Met Asn Phe Thr Ala Leu Leu Ala Ala Val Ala Ala Ala Leu Val Gly	
1 5 10 15	
tct gcc aac gcc acc gcg tgc acc gcc acc cag cag acc gct gcg tac	96
Ser Ala Asn Ala Thr Ala Cys Thr Ala Thr Gln Gln Thr Ala Ala Tyr	
20 25 30	
aag aca ctc gtg agc atc ctg tgc gac gcg tgc ttc aac aag tgc tct	144
Lys Thr Leu Val Ser Ile Leu Ser Asp Ala Ser Phe Asn Lys Cys Ser	
35 40 45	
acg gat tgc ggc tac tcc atg ctg acg gcc aag gcc ctc ccc acc acg	192
Thr Asp Ser Gly Tyr Ser Met Leu Thr Ala Lys Ala Leu Pro Thr Thr	
50 55 60	

```

gcg cag tac aag ctc atg tgc gcg tcc acg gca tgc aac acc atg atc 240
Ala Gln Tyr Lys Leu Met Cys Ala Ser Thr Ala Cys Asn Thr Met Ile
 65              70              75              80

aag aag atc gtg acg ctg aac ccg ccc aac tgc gac ctg acg gtg ccc 288
Lys Lys Ile Val Thr Leu Asn Pro Pro Asn Cys Asp Leu Thr Val Pro
              85              90              95

acg agc ggc ctg gtg ctc aac gtg tac tcg tac gcg aac ggc ttc tcg 336
Thr Ser Gly Leu Val Leu Asn Val Tyr Ser Tyr Ala Asn Gly Phe Ser
              100              105              110

gac aag tgc tcg tcg ctg 354
Asp Lys Cys Ser Ser Leu
 115

```

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 13:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 354 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADN

(ix) CARACTERISTIQUE:

- (A) NOM/CLE: CDS
- (B) EMPLACEMENT: 1..294

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 13:

```

acc gcg tgc acc gcc acc cag cag acc gct gcg tac aag aca ctc gtg 48
Thr Ala Cys Thr Ala Thr Gln Gln Thr Ala Ala Tyr Lys Thr Leu Val
 1              5              10              15

agc atc ctg tcg gac gcg tcg ttc aac aag tgc tct acg gat tcg ggc 96
Ser Ile Leu Ser Asp Ala Ser Phe Asn Lys Cys Ser Thr Asp Ser Gly
              20              25              30

tac tcc atg ctg acg gcc aag gcc ctc ccc acc acg gcg cag tac aag 144
Tyr Ser Met Leu Thr Ala Lys Ala Leu Pro Thr Thr Ala Gln Tyr Lys
              35              40              45

ctc atg tgc gcg tcc acg gca tgc aac acc atg atc aag aag atc gtg 192
Leu Met Cys Ala Ser Thr Ala Cys Asn Thr Met Ile Lys Lys Ile Val
              50              55              60

acg ctg aac ccg ccc aac tgc gac ctg acg gtg ccc acg agc ggc ctg 240
Thr Leu Asn Pro Pro Asn Cys Asp Leu Thr Val Pro Thr Ser Gly Leu
 65              70              75              80

gtg ctc aac gtg tac tcg tac gcg aac ggc ttc tcg gac aag tgc tcg 288
Val Leu Asn Val Tyr Ser Tyr Ala Asn Gly Phe Ser Asp Lys Cys Ser
              85              90              95

tcg ctg 294
Ser Leu

```

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 14:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 1620 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple

(D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADN

(ix) CARACTERISTIQUE:

(A) NOM/CLE: promoteur COMTII

(B) EMPLACEMENT:1..1263

(ix) CARACTERISTIQUE:

(A) NOM/CLE: CDS Mégaspermine

(B) EMPLACEMENT:1264..1630

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 13:

```

cgtccacctg tgccaacaat atagagacaa ttgctcgtg tagtcagaaa gagtgtttta 60
cttttttagtt gcttttttagt gaatctactc ggtataaagt taaattagtg ggtcaataag 120
tcgggtgaat agttaagaa aacagtggtg agtttagctg tcaaataatt ttttcttttt 180
cttgttttca cattagaaat caaaaataaaa cacaagcttt ttgtatttat tttaacacaa 240
gctaattata tgtttatatg ctggttaggt gaagtaaagc atgttatatg aggaaagtac 300
gaagaaaatg tgccaattgt cgtgtacagc aaagcagcca gcacaagcaa attcgcaactt 360
gataagtggc taagtccact ttctagtggg cctagtgggt cactaacttt taccaaaaag 420
gcaataattt gcaattcaaa aagaaaaaag gaaaaaagaa aactagacag actttaacac 480
accaactccc acaggaagca acaatgcaac tcacaaaagg aaaccgagtt tttccgcgac 540
ggatctagaa tttgggttca ttctttacgc ttttctgtat taaactcatt atatttgtat 600
aattatgggt ttatatTTTT tatttattgt aatttttgta aaattttata tataagtgtg 660
tactccacgt ctccggatac tacattagcc tctagggttc ttaatactct tgttaaattg 720
tccaggctcc aaacgcatgt tcgtttcaat tttaacggat gtttccgaac aactccaaat 780
gttcaatgtt aggtgtgttt ggtgttaagc ttccgtccta ggtaataga atagataatt 840
gttgtttctt atatagtttt gaacaatcgt cgccataaac taatttttag gatggaagct 900
aatttttagg atggagtaca gcctaagggt aaaaataaac tataaaaaat atccataaaa 960
ggtgaaattt aattagtaac atgaaaagat aaaactagtg ttatcgggtc aactttcaaa 1020
agagaaaagaa ataactagac aaacttcaac aaccaacctg cccaacatgc tactgtgcaa 1080
ttgaaaaata aacaaaagag aaccagacaa tatttcaacc aatattccat caagaaaacc 1140
aattatgaca attcttaacc aaagtcacaa ctaacactta taaaagcac taactcaact 1200
gtacatgatt gtgaagccta acaaaaacac tctaaaaggc ctctagagga tccccggggt 1260
acc atg aac ttc acc gct ctg ctc gct gcc gtc gcc gcc gcc ttg gtc 1308
Met Asn Phe Thr Ala Leu Leu Ala Ala Val Ala Ala Ala Leu Val
1 5 10 15
gga tct gcc aac gcc acc gcg tgc acc gcc acc cag caa acc gct gcg 1356
Gly Ser Ala Asn Ala Thr Ala Cys Thr Ala Thr Gln Gln Thr Ala Ala
20 25 30

```

tac	aaa	aca	ctc	gtg	agc	atc	ctg	tcg	gac	gcg	tcg	ttc	aac	aag	tgc	1404
Tyr	Lys	Thr	Leu	Val	Ser	Ile	Leu	Ser	Asp	Ala	Ser	Phe	Asn	Lys	Cys	
			35					40					45			
tct	acg	gat	tcg	ggc	tac	tcc	atg	ctg	acg	gcc	aag	gcc	ctc	ccc	acc	1452
Ser	Thr	Asp	Ser	Gly	Tyr	Ser	Met	Leu	Thr	Ala	Lys	Ala	Leu	Pro	Thr	
		50					55					60				
acg	gcg	cag	tac	aag	ctc	atg	tgc	gcg	tcc	acg	gca	tgc	aac	acc	atg	1500
Thr	Ala	Gln	Tyr	Lys	Leu	Met	Cys	Ala	Ser	Thr	Ala	Cys	Asn	Thr	Met	
		65				70					75					
atc	aaa	aaa	atc	gtg	acg	ctg	aac	ccg	ccc	aac	tgc	aac	ctg	acg	gtg	1548
Ile	Lys	Lys	Ile	Val	Thr	Leu	Asn	Pro	Pro	Asn	Cys	Asn	Leu	Thr	Val	
	80				85					90					95	
ccc	acg	agc	ggc	ctg	gtg	ctc	aac	gtg	tac	tcg	tac	cca	aac	ggc	ttc	1596
Pro	Thr	Ser	Gly	Leu	Val	Leu	Asn	Val	Tyr	Ser	Tyr	Pro	Asn	Gly	Phe	
			100					105						110		
tcg	gac	aag	tgc	tcg	tcg	ctg	taa									1620
Ser	Asp	Lys	Cys	Ser	Ser	Leu										
			115													

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 15:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
- (A) LONGUEUR: 33 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Oligonucléotide synthétique PAS2

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 15:

CGCGGATCCC CTTTGTAGAGT GTTTTGTGTTA GGC

33

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 16:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
- (A) LONGUEUR: 33 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Oligonucléotide synthétique PS5

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 16:

ACGCGTCGAC GTTAGGGACA ATCTATAGTG TCAC

33✓

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 17:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
- (A) LONGUEUR: 34 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Oligonucléotide synthétique PS6

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 17:

ACGCGTCGAC GCTCCGAGGA TTTGGCTGTC GCGG

34

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 18:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 34 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Oligonucléotide synthétique PS7

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 18:

ACGCGTCGAC GCTGGTTAGG TGAAGTAAAG CATG

34

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 19:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 33 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Oligonucléotide synthétique PS8

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 19:

ACGCGTCGAC GCATGTTATA TGAGGAAAGT ACG

33

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 20:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 33 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Oligonucléotide synthétique PS9

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 20:

ACGCGTCGAC GCAGCCAGCA CAAGCAAATT CGC

33

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 21:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 31 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Oligonucléotide synthétique PS10

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 21:

ACGCGTCGAC GACTTTAACA CACCAACTCC C

31

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 22:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 34 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ii) TYPE DE MOLECULE: Oligonucléotide synthétique PS11

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 22:

ACGCGTCGAC CGGATCTAGA ATTTGGGTTC ATTC

34

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 23:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 35 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Oligonucléotide synthétique PS12

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 23:

ACGCGTCGAC GTGTATACTC CACGTCTCCG GATAC

35

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 24:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 32 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Oligonucléotide synthétique PS13

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 24:

ACGCGTCGAC GTTCAATGTT AGGTGTGTTT GG

32

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 25:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 36 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Oligonucléotide synthétique PAS3

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 25:

CGCGGATCCG CTTAACACCA AACACACCTA ACATTG

36

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 26:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 - (A) LONGUEUR: 30 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: Oligonucléotide synthétique PS14

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 26:

ACGCGTCGAC CAGTGGTGAG TTAGCTGTC

30